



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

Universidad Miguel Hernández de Elche

**Contribución al análisis funcional de *POL5*,
RRP36, *UTP22* y *UTP18* mediante el
silenciamiento parcial de su expresión con
microARN artificiales**

Gabriela Alejandra Báez Barroso

Tutores:

María Rosa Ponce Molet

Adrián Cabezas Fuster

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Máster en Biotecnología y Bioingeniería

Facultad de Ciencias Experimentales/Instituto de Bioingeniería

Curso académico 2022-2023

MARÍA ROSA PONCE MOLET, Catedrática de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

ADRIÁN CABEZAS FUSTER, Doctor por la Universidad Miguel Hernández de Elche,

HACEMOS CONSTAR:

Que el presente trabajo ha sido realizado bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor realizada por Gabriela Alejandra Báez Barroso como Trabajo de Fin del Máster en Biotecnología y Bioingeniería. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la Unidad de Genética del Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

Adrián Cabezas Fuster

María Rosa Ponce Molet

Elche, 1 de septiembre de 2023

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVES

En este Trabajo de Fin de Máster (TFM) hemos contribuido a la caracterización funcional de los genes *DNA POLYMERASE V (POL5)*, *RIBOSOMAL RNA PROCESSING 36 (RRP36)*, *U THREE PROTEIN 18 (UTP18)*, *UTP22* y *BMh SENSITIVE 1 (BMS1)* en *Arabidopsis thaliana*, cuyos ortólogos de *Saccharomyces cerevisiae* codifican proteínas que forman parte del procesoma SSU, que es clave para la maduración del ARN ribosómico (ARNr) 18S y el ensamblaje de la subunidad menor del ribosoma o 40S. Se han estudiado los efectos de la inactivación parcial de estos genes en líneas *amiR-POL5*, *amiR-RRP36*, *amiR-UTP18* y *amiR-UTP22*, portadoras de transgenes que expresan microARN artificiales (líneas *amiR*) y que fueron obtenidas en el laboratorio antes del inicio de este trabajo. Paralelamente, hemos iniciado el análisis funcional del gen *BMS1*, mediante el análisis del mutante puntual *denticulata9 (den9)*, y de dos mutantes insercionales. Los fenotipos morfológicos y moleculares de plantas de algunas de estas líneas *amiR* y de *den9*, sugieren que *POL5*, *RRP36*, *UTP18*, *UTP22* y *BMS1* de *Arabidopsis* son factores de la biogénesis del ribosoma, actuando en la maduración del ARNr 18S, como sus ortólogos de la levadura.

Palabras clave: *Arabidopsis*, *POL5*, *RRP36*, *UTP18*, *UTP22*, *BMS1*, procesoma SSU, microARN artificial, *amiR*.

In this Master's Thesis, we have contributed to the functional characterization of the *DNA POLYMERASE V (POL5)*, *RIBOSOMAL RNA PROCESSING 36 (RRP36)*, *U THREE PROTEIN 18 (UTP18)*, *UTP22*, and *BMh SENSITIVE 1 (BMS1)* genes in *Arabidopsis thaliana*, whose orthologs in *Saccharomyces cerevisiae* encode proteins that are part of the SSU processome, involved in ribosomal RNA (rRNA) 18S maturation and assembly of the small ribosomal subunit or 40S. The effects of the partial inactivation of these genes have been analysed in several *amiR-POL5*, *amiR-RRP36*, *amiR-UTP18*, and *amiR-UTP22* lines, carrying transgenes expressing artificial microRNAs (*amiR* lines) that were generated in the laboratory prior to the start of this work. Additionally, we have initiated the functional analysis of the *BMS1* gene by analyzing the *denticulata9 (den9)* mutant and two insertional lines that disrupt it. The morphological and molecular phenotypes of plants of several *amiR* lines and *den9* suggest that *Arabidopsis* *POL5*, *RRP36*, *UTP18*, *UTP22*, and *BMS1* proteins are also involved in ribosome biogenesis, acting in the maturation of 18S rRNA, similar to their yeast orthologs.

Keywords: *Arabidopsis*, *POL5*, *RRP36*, *UTP18*, *UTP22*, *BMS1*, SSU processome, artificial microRNA, *amiR*.